DOI:10.11931/guihaia.gxzw201904029

# *XTH* 基因家族在妃子笑荔枝花穗不同处理方式的表达分析

董晨，魏永赞，王弋，郑雪文，李伟才*
（中国热带农业科学院南亚热带作物研究所/农业部热带果树生物学重点实验室，广东 湛江 524091）

**摘 要：**木葡聚糖内切葡聚糖酶/水解酶（xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase，XTH）是一类重要的糖苷水解酶，在促进植物细胞壁延展以及响应逆境胁迫方面发挥着重要的作用。为了研究荔枝 *XTH* 家族基因在不同花穗处理方式下的表达情况，本研究以妃子笑荔枝为实验材料，对妃子笑花穗进行疏花和喷施烯效唑处理；基于前期转录组数据库鉴定出 29 个 *LcXTH* 家族成员，利用荧光定量 PCR（qRT-PCR）技术对 *LcXTH* 基因家族成员在不同处理后花穗的表达进行研究，分析 *XTH* 家族基因对不同花穗处理方式的响应情况。结果表明：*LcXTH* 家族基因成员表达在对照、疏花处理和烯效唑处理后花穗不同发育阶段表达规律不同，且不同基因存在表达量的差异。其中 *LcXTH* 亚家族 III、*LcXTH* 亚家族 IV（*LcXTH2*、*LcXTH3*、*LcXTH4*、*LcXTH5*、*LcXTH6*、*LcXTH7*、*LcXTH9*、*LcXTH10*、*LcXTH11*、*LcXTH12*、*LcXTH13*、*LcXTH22* 和 *LcXTH23*）成员及 *LcXTH20* 表达量较高，推测在花穗发育中起关键作用。妃子笑花穗疏花处理 14d 后 *LcXTH* 家族大部分成员表达上调，推测疏花对 *LcXTH* 的表达起到正调控作用；妃子笑花穗喷施烯效唑后 *LcXTH* 家族成员的表达下调，推测烯效唑处理对 *LcXTH* 的表达起到负调控作用。

**关键词：**荔枝，不同处理，XTH 基因家族，qRT-PCR，基因表达
**中图分类号：** Q943 **文献标识码：**A

# Expression analysis of xyloglucan endotransglucosylase/ hydrolase (*XTH*) gene family in Feizixiao litchi flower spike under different treatment

DONG Chen, WEI Yongzan, WANG Yi, ZHENG Xuewen, LI Weicai*
（*Institute of South Subtropical Corp Research*, *Chinese Academy of Tropical Agricultural Science/ Key Laboratory of Tropical Fruit Biology*, *Ministry of Agriculture*, Zhanjiang 524091, Guagndong, China ）

**Abstract:** Xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase (XTH) is an important class of glycoside hydrolase that plays an important role in promoting plant cell wall elongation and responding to stress. In order to study the expression of the *XTH* family genes in different spike treatments, this study used the Feizixiao litchi as the experimental material. The flower spikes of litchi were treated with sparse flowers and uniconazole treatment respectively. Based on the pre-transcriptome database, 29 *LcXTH* family members were identified. The expression of *LcXTH*

**基金项目：**国家荔枝龙眼产业技术体系（CARS-33-21；中央级公益性科研院所基本科研业务专项(1630062019020)[Supported by the Central Public Research Institutes for Basic Research Funds (1630062019020); the China Litchi and Longan Industry Technology Research System ( CARS-33-21)]。

**作者简介：**董晨（1981-），女，河南滑县人，硕士，副研究员，主要从事热带果树分子生物学研究，（ E-mail）nysdongchen@sina.com。
***通信作者：**李伟才，研究员，研究方向为果树学，（E-mail）lwc-619@163.com。

gene family members in different spikes was studied by real-time PCR (qRT-PCR). And analyzed the response of *LcXTH* family genes to different spike treatments. The results showed that the expression of *LcXTH* family members was different in the different developmental stages of the flowering stage after control, sparse treatment and uniconazole treatment, And there are differences in the expression levels of different genes. Among them, members of *LcXTH* subfamily III, LcXTH subfamily IV (*LcXTH2, LcXTH3, LcXTH4, LcXTH5, LcXTH6, LcXTH7, LcXTH9, LcXTH10, LcXTH11, LcXTH12, LcXTH13, LcXTH22 and LcXTH23*) and *LcXTH20* have higher expression levels, presumably it plays a key role in flower development. *LcXTH* expression was up-regulated at the 14th day after flowering, We speculatee flowering has a positive regulation effect on *LcXTH*. Uniconazole treatment inhibited the expression of *LcXTH* and negatively regulated *LcXTH*.

**Key words:** litchi, different treatment, XTH, qRT-PCR, gene expression



荔枝是原产于我国的重要的热带亚热带水果，目前荔枝产业已成为我国南方热作产业的支柱产业之一，在农村经济的发展及热区果农收入水平的提高方面发挥着举足轻重的作用。‘妃子笑’荔枝花穗具有花穗长、花量大等特点，生产上需要对荔枝的花穗进行调控处理提高坐果，调控措施通过机械疏花或是化学调控。荔枝花穗的生长和发育涉及细胞壁松动和用于修饰细胞的细胞壁中的各种蛋白质在细胞生长和发育期间细胞壁的重塑。众所周知纤维素-半纤维素网络在细胞壁重塑方面起主导作用，其中木葡聚糖内转葡糖基酶/水解酶（XTHs）是细胞壁重构过程的关键酶。木葡聚糖内切葡聚糖酶/水解酶（xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase，XTH）在促进植物细胞壁延展以及响应逆境胁迫方面发挥着重要的作用。木葡聚糖内切葡聚糖酶/水解酶由多基因家族编码的一大类蛋白质，属于糖基水解酶家族 16，具有转糖基酶(XET)和水解酶(XEH)双重作用(Nishitani & Tominaga，1992)。大多数 XTH 酶具有保守的 DEIDFEFLG 基序，被认为是木葡聚糖内切水解酶（XEH）活性的和木葡聚糖内切葡聚糖酶（XET）活性的催化位点(Campbell & Braam，1998)。*XTH* 基因家族的另一个结构特征是该基因的第一个外显子的最前端序列编码并将 XTH 蛋白转运到细胞膜或细胞壁的信号肽(Yokoyama et al.，2004)。在植物体中 *XTH* 多以基因家族的形式存在，目前随着多个物种的基因组测序完成，越来越多的植物，如拟南芥(Berardini et al.， 2004)、水稻(Yokoyama et al.，2004)、小麦(Liu et al.，2007)、草莓(Opazo et al.，2010)、谷子(元香梅等，2017)、番茄(Saladié et al.，2006)、苎麻(陈悰,2017)、毛果杨(Geislerlee et al.，2006)等的 *XTH* 基因家族得以鉴定。课题组前期基于转录组对荔枝 *XTH* 基因家族 29 个成员进行了鉴定及生物信息学分析(董晨等，2019)，通过对 *XTH* 基因家族 29 个成员聚类分析分成 4 个亚家族，本研究在前期研究工作基础上，通过对“妃子笑”荔枝花穗进行短截疏花和喷施烯效唑处理，通过 qRT-PCR 技术初步探索两种处理方式下花穗发育过程中 *LcXTH* 基因家族不同亚家族的表达变化规律。为深入了解 *XTH* 基因的功能及花穗发育过程中的调控机制奠定理论基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试材料

本研究中供试材料‘妃子笑’荔枝取自广东省湛江市湖秀新村南亚热带作物研究所荔枝栽培示范园。

### 1.2 实验方法

1.2.1 材料处理

‘妃子笑’试验树随机选择，选择标准为树龄相同、长势相近，选取 9 株为试验树，在试验树花穗抽生长度约 18 cm 时，进行以下 3 个处理：（1）对照（CK），不做任何处理；（2）疏花（SH）处理，将长花穗短截至 15 cm；（3）烯效唑（Un）处理：采用浓度为 50 μg·mL$^{-1}$ 烯效唑（品牌：四川国光，有效成分含量 5%）喷施花穗，喷至花穗滴水；完全随机区组排列，单株小区，3 次重复。处理后定期观察，分别取对照及两种处理后不同时间点（0、7、14、28、42 d）的整个花穗，液氮速冻后存放于-80 ℃冰箱备用，用于 RNA 的提取。

1.2.2 *荔枝 XTH 基因家族表达分析*

RNA 提取试剂盒采用华越洋生物科技有限公司生产的试剂盒，提取花穗总 RNA。取提取后样品 1 μL 检测 RNA 质量和浓度，样品符合要求后利用 M-MLV 逆转录酶（TaKaRa ）反转录合成 cDNA。扩增荔枝肌动蛋白基因（GenBank 登录号 HQ615689）作为 *LcActin* 内参(Zhong et al.，2011)，根据转录组（GenBank accession SRP092890）中注释的 *LcXTH* 的核苷酸序列(Wei et al.，2017)，利用在线软件 Primer3plus 设计荧光定量引物(引物序列见表 1)，通过 blast 分析引物的特异性，委托广州艾基生物技术有限公司合成引物序列。qRT-PCR 分析采用 SYBR Premix Ex TaqTM ( TaKaRa) 试剂盒，Roche 480 II 定量 PCR 系统（瑞士），采用 384 孔板，qRT-PCR 反应体系为 10 μL， 其中 cDNA 1 uL（相当于 25 ng 总 RNA），2 μL 基因特异性引物，5 uL 2×SYBR Premix ExTaq，用去 RNA 酶的 ddH$_2$O 补足 10 μL。反应条件为: 94 ℃ 预变性 2 min; 94 ℃ 15 s， 58 ℃ 30 s，72 ℃ 30 s， 共 40 个循环。每个样品进行 3 次重复。 采用 $2^{-\Delta\Delta CT}$ 法计算目标基因相对表达量。

**表 1 用于荔枝 XTH 基因家族 qRT -PCR 引物序列**

Table 1 Primers used for qRT-PCR *XTH* gene family in litchi

| 基因<br>Gene | 正向引物 5'-3'<br>Forword primer 5'-3' | 反向引物 5'-3'<br>Reverse primer 5'-3' |
|---|---|---|
| *LcXTH1* | TTCTCGCAGGAACTGGACTT | ACTAACCAACGGGACGACAG |
| *LcXTH2* | ACTGTGCCATCAACACTGGA | CAGAATGCAAGGCCTCCTAA |
| *LcXTH3* | CTTGGGTGAACACATTGGTG | GACAAAACCTCTGGCTCTGG |
| *LcXTH4* | GGGACAAGCTTGAGTTGCAT | GATCCTTTCTGATGGCTGCT |
| *LcXTH5* | TGTGCCATCAACACTGGAAT | GGCTAAAATGGGTGCAGAAC |
| *LcXTH6* | TCGACGTATGGATGTGTTGG | ATAGGCTCAAATGGGTGCAG |
| *LcXTH7* | CGTGGTTTGCTAGGAGGTGT | CAATGGGGCATCTTCTTGTT |
| *LcXTH8* | TGCCATCCACTGAGAATCTG | GGAAAGGGCAACAGAGAACA |
| *LcXTH9* | CTAGGAGGCCTTGCATTCTG | CAAAGGGGCATCATCTTGTT |
| *LcXTH10* | AACAAGAAGATGCCCCATTG | TCCCATTCCCAAAGAATCAG |
| *LcXTH11* | CAAGCTCTTGGGAGAACCAG | AGTCCCATTCCCAAAGAACC |
| *LcXTH12* | TGAATGCGACAAAGAATGGA | AATGGGCGCAGAACAACTAT |
| *LcXTH13* | AAGCTTTGTCGAGGGAGAGA | GTTCATGGCTTCCTCTGCTT |
| *LcXTH14* | CAAGAGGTGGGCTTGAGAAG | GGCATAGTTGGGTTTCTGGA |
| *LcXTH15* | TGATACGTCCCCCTTGAGTC | GTTTGGAGTCCCAAGCACAT |
| *LcXTH16* | TCTGCTCTCCTCACCACCTT | TGGCAAAGACAAGAGCATTG |
| *LcXTH17* | GGAAAAGGTGACAGGGAACA | ATCGGTTGGGACATTGGATA |
| *LcXTH18* | GGATCGAACCAAAGTCGGTA | CAGGGATTTGTGTTGCCTTT |
| *LcXTH19* | CAGCCAAACCGAGATGAAAT | CCCTTGTCTGCATGGTTTCT |
| *LcXTH20* | GGTGCGTAGGTCCAGTTGAT | GAGCGAAGGCATTACCTCTG |

| | | |
|---|---|---|
| *LcXTH21* | GAAGCCAAAACAGGATGGAA | TCCCATATCGTGGCATACAA |
| *LcXTH22* | TCCAGGGACAAGCTTGAGTT | TTTTGTCTGCTTGGCTCCTT |
| *LcXTH23* | GAACCAGAGGCTTTGTCGAG | CAAACCATTCATGGCTTCCT |
| *LcXTH24* | TGTGACAGGTGCCATTGTTT | CTCCAGGGTCCACCTCACTA |
| *LcXTH25* | GGTTTCCAATCCAAGAACGA | TGGGATCGAACCAGAGGTAG |
| *LcXTH26* | GCTGAACCACCCAAATCTGT | AGCTCAGCCAACGTCATCTT |
| *LcXTH27* | ACCAGGTTGAAGCTTGATGG | CAATGCTTATTGGCCACCTT |
| *LcXTH28* | CCAAGGAAGCCTGTTGATGT | CCCCACCAACCATCTTTATG |
| *LcXTH29* | ATGATACGTTGGGGATTCCA | ACTCTGCTGGCACCGTTACT |
| *LcActin* | GTGGTTCTACTATGTTCCCTG | CTCGTCGTACTCATCCTTTG |

## 2 结果与分析

### 2.1 *LcXTH* 基因家族亚家族 I 表达情况分析

*LcXTH* 基因家族亚家族 I 共有 3 个基因成员，分别为 *LcXTH18*、*LcXTH20* 和 *LcXTH27*。3 个基因在不同处理花穗发育的不同时期表达情况见图 1，结果显示 *LcXTH* 亚家族 I 基因在不同处理花穗不同发育阶段均有表达，但表达丰度存在差异；在不同处理中 *LcXTH20* 的表达量最强，且均在 28 d 达到峰值；不同出来中 *LcXTH18* 和 *LcXTH27* 在 28 d 的表达量对照>疏花>烯效唑，表明疏花处理和烯效唑处理抑制 *LcXTH18* 和 *LcXTH27* 的表达，其中烯效唑抑制效果明显。*LcXTH27* 在不同处理 42 d 表达量烯效唑处理较对照和疏花处理差异显著。

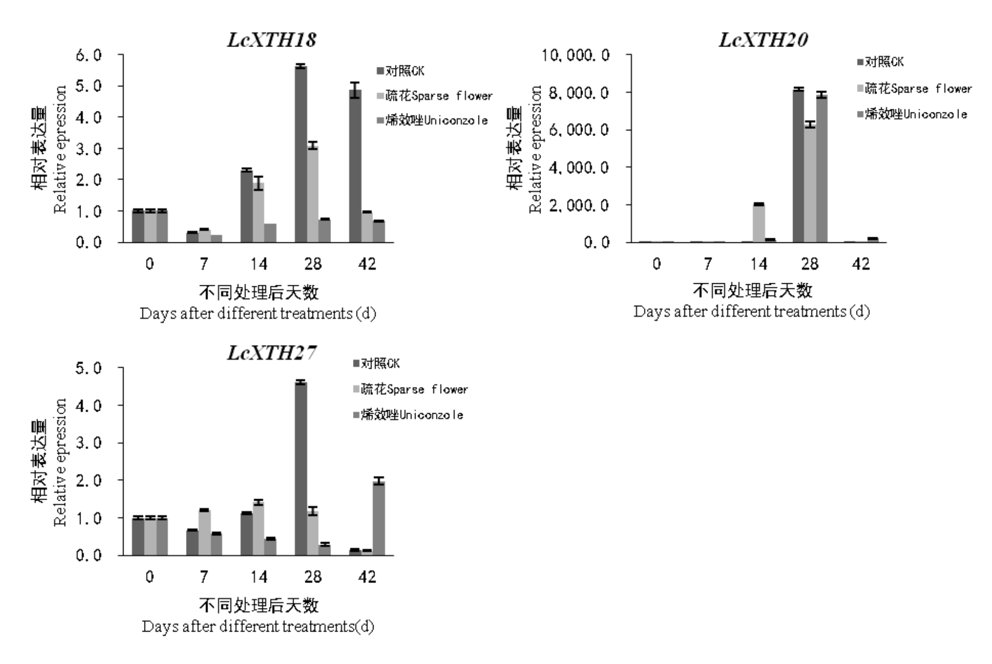



图 1 *LcXTH* 基因家族亚家族 I 表达情况分析

Fig.1 *LcXTH* gene family subfamily I expression analysis

### 2.2 *LcXTH* 基因家族亚家族 II 表达情况分析

*LcXTH* 基因家族亚家族 II 共有 4 个基因成员，分别为 *LcXTH17*、*LcXTH19*、*LcXTH26* 和 *LcXTH28*。4 个基因在不同处理花穗发育的不同时期表达情况见图 2，结果显示 *LcXTH* 亚家族 II 成员在不同处理花穗不同发育阶段均有表达，但相对表达量较低。*LcXTH17* 的表达

在对照中表达趋势先下调，随后在 14 d 表达上调，28、42 d 逐渐下调；疏花、烯效唑处理表达趋势与对照一致，但不同处理间存在表达量的差异，烯效唑处理相对表达量较对照和疏花处理略低。*LcXTH19* 的表达趋势在对照和疏花处理中为逐渐下调，烯效唑处理 *LcXTH19* 的表达趋势为先下调，14 d 表达上调后又逐渐下调。*LcXTH26* 的表达在不同处理前期表达没有明显变化，在 14 d 疏花处理中表达明显升高，随后在 28、42 d 表达逐渐降低。而对照和烯效唑处理 *LcXTH26* 的表达下降的不明显。*LcXTH28* 在不同处理中表达趋势为逐渐下调。

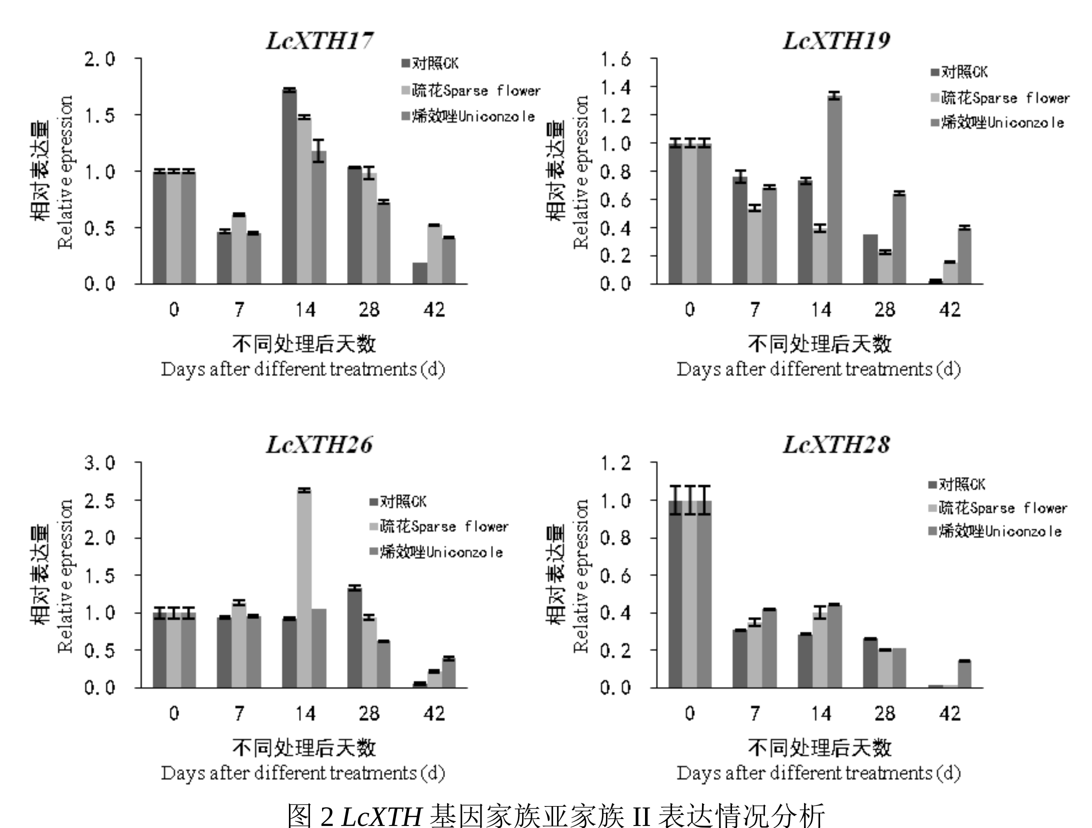



图 2 *LcXTH* 基因家族亚家族 II 表达情况分析

Fig.2 *LcXTH* gene family subfamily II expression analysis

**2.3 *LcXTH* 基因家族亚家族 III 表达情况分析**

*LcXTH* 基因家族亚家族 III 共有 3 个基因，分别为 *LcXTH8*、*LcXTH25* 和 *LcXTH29*。3 个基因在不同处理花穗发育的不同时期表达情况见图 3，结果显示 *LcXTH* 亚家族 III 成员在不同处理花穗不同发育阶段均有表达，但在表达丰度存在差异。*LcXTH8* 和 *LcXTH25* 在对照和疏花处理 14 d 表达量均达到峰值，烯效唑处理 *LcXTH8* 和 *LcXTH25* 表达高峰延迟，且表达量较对照和疏花处理要低。*LcXTH29* 在疏花处理中的表达趋势与 *LcXTH8* 和 *LcXTH25* 一致。*LcXTH29* 在相对表达量逐渐上调，在 28 d 表达量最高，随后表达急剧下调，而在烯效唑处理中 *LcXTH29* 表达同样在 28 d 达到最高，但在其他时期的表达变化不明显。

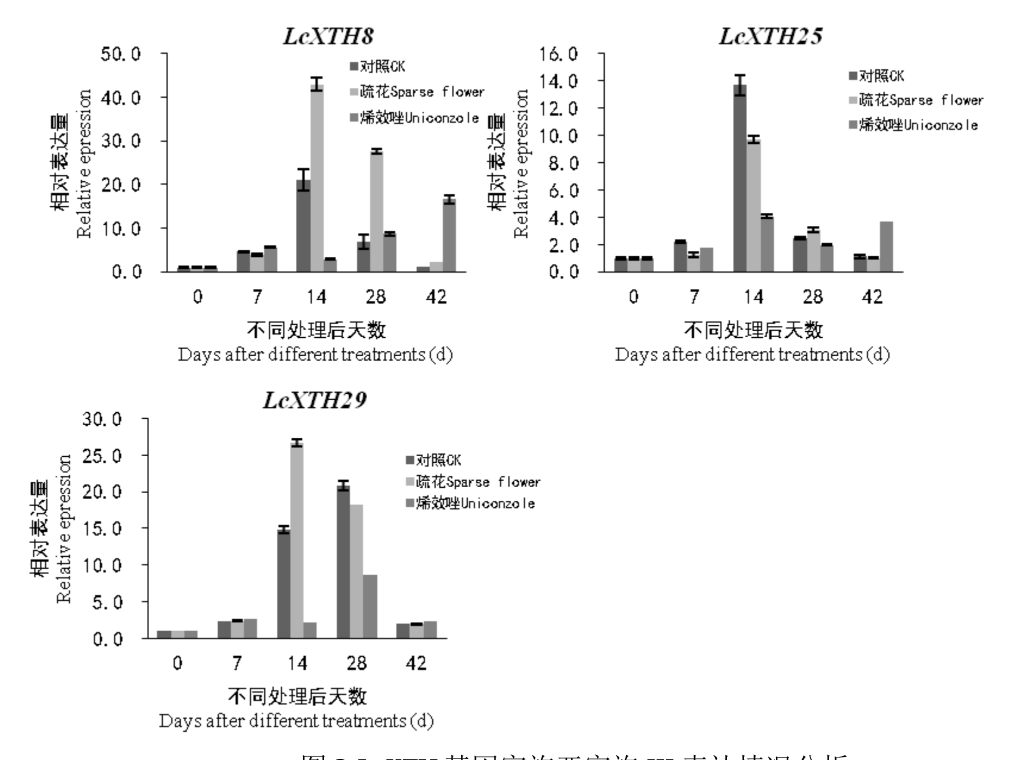



图 3 *LcXTH* 基因家族亚家族 III 表达情况分析

Fig.3 *LcXTH* gene family subfamily III expression analysis

**2.4 *LcXTH* 基因家族亚家族 IV 表达情况分析**

*LcXTH* 基因家族亚家族 IV 共有 19 个基因，占基因家族总数的 65%，分别为 *LcXTH1*、*LcXTH2*、*LcXTH3*、*LcXTH4*、*LcXTH5*、*LcXTH6*、*LcXTH7*、*LcXTH9*、*LcXTH10*、*LcXTH11*、*LcXTH12*、*LcXTH13*、*LcXTH14*、*LcXTH15*、*LcXTH16*、*LcXTH21*、*LcXTH22*、*LcXTH23* 和 *LcXTH24*。19 个基因在不同处理花穗发育的不同时期表达情况见图 4，结果显示 *LcXTH* 亚家族 IV 成员在不同处理花穗不同发育阶段均有表达，但在表达丰度存在差异。其中 *LcXTH1*、*LcXTH14*、*LcXTH15* 和 *LcXTH21* 表达量较低，表达趋势一致；而 *LcXTH2*、*LcXTH3*、*LcXTH4*、*LcXTH5*、*LcXTH6*、*LcXTH7*、*LcXTH9*、*LcXTH10*、*LcXTH11*、*LcXTH12*、*LcXTH13*、*LcXTH22* 和 *LcXTH23* 表达量较高，表达趋势大致一致，但在 14 d 上述 *LcXTH* 在不同处理中表达差异比较大，其中疏花处理表达量最高，对照次之，烯效唑处理表达量最低。在烯效唑处理中理 *LcXTH* 表达量低于对照和疏花且表达高峰相对延迟，在 42 d 表达量达到峰值。*LcXTH16* 的相对表达量在不同处理 7~42 d 间表达较 0 d 表达上调，而 *LcXTH24* 表达量在不同处理间均在 7 d 时达到峰值，推测其在 7 d 发挥主要作用。

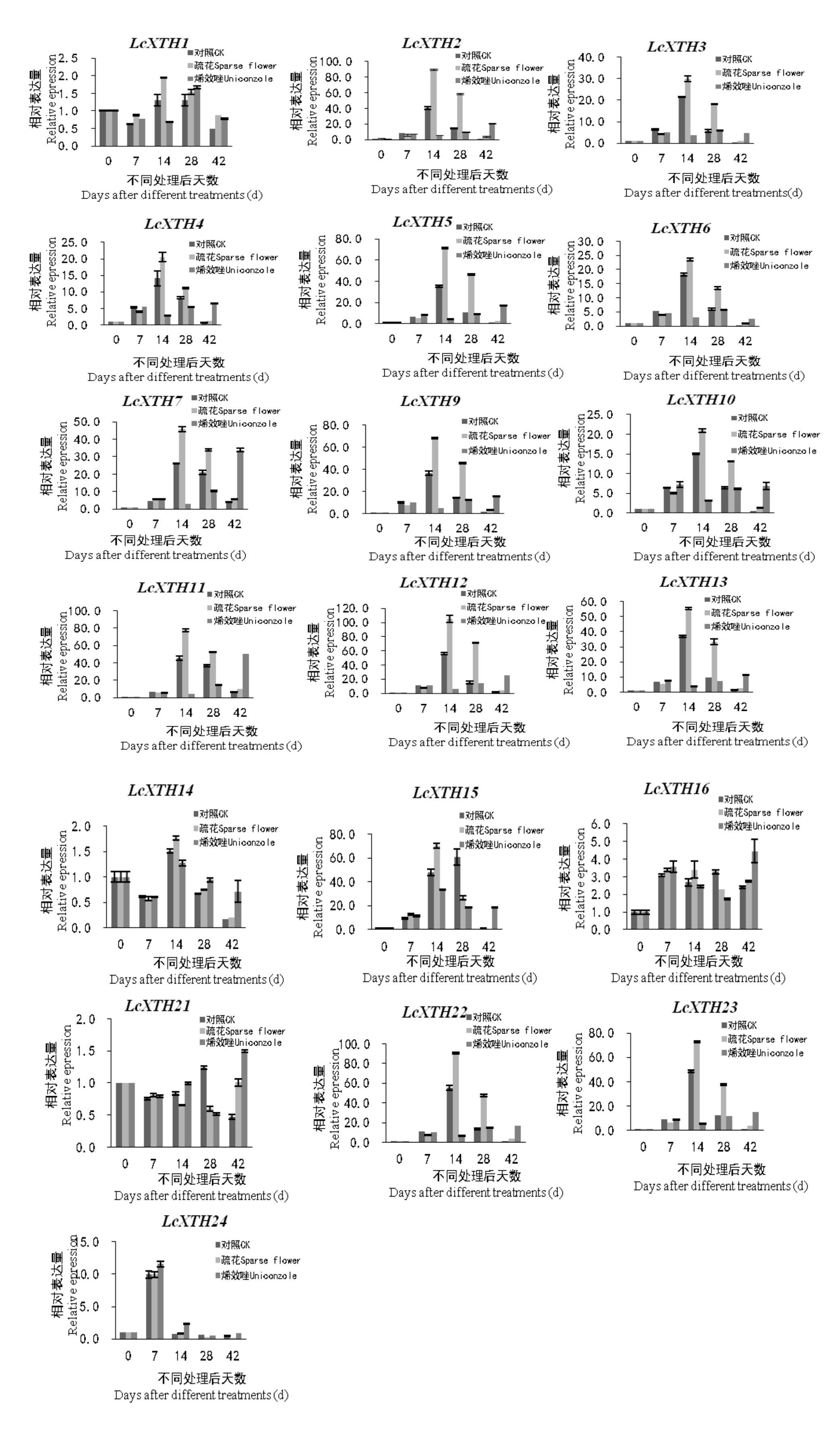



图 4 *LcXTH* 基因家族亚家族 IV 表达情况分析

Fig.4 *LcXTH* gene family subfamily IV expression analysis

## 3 结论与讨论

“妃子笑”素有爱花不惜子之说，究其原因是因大量营养消耗而导致坐果少甚至有花无果的问题，严重影响了荔枝的产量，限制产业发展。在荔枝生产上，常用的是机械短截疏花和化学调控技术。在花穗生长期对长的荔枝花穗进行短截，可明显地减少花量，增加雌花比例，提高花质和坐果率。本课题组前期研究发现一定浓度的烯效唑处理‘妃子笑’荔枝可使花穗的发育暂缓生长，花穗短壮，盛花期延迟，花量大大减少，省去妃子笑疏花繁重紧张的工作、提高坐果率(李伟才等，2011)。

木葡聚糖内转糖苷酶/水解酶基因(XTH)在促进植物细胞壁重塑以及响应逆境胁迫方面发挥着重要的作用。陆旺金等分别从荔枝抗裂和不抗裂两个品种中分离鉴定了 3 个 *XET* 基因 *LcXET1*、*LcXET2 和 LcXET3*，其中 *LcXET* 在降低荔枝果实开裂中有着重要作用(Lu et al .，2006)。本研究通过对“妃子笑”荔枝不同处理花穗发育过程中 *LcXTH* 基因家族的表达情况进行分析，4 个不同亚家族中对照和疏花处理 *LcXTH* 基因家族在不同发育时期表达规律大概一致，而烯效唑处理 *LcXTH* 基因家族表达规律与对照和疏花处理则存在较大差异；前人研究报道 GA 诱导 XTH 的表达(Liu et al., 2007)，调控细胞壁的重塑，而烯效唑作为 GA 合成的抑制剂，抑制了花穗的伸长，导致花穗生长速率降低，从而导致 *LcXTH* 的表达受抑制，表达量低于对照和疏花处理，刚好与前人研究结果相吻合。转录层面 *LcXTH* 基因家族的不同发育时期的表达模式的多样性，说明花穗发育不同时期 *LcXTH* 活性存在变化，而 *LcXTH* 活性与花穗的生长速率呈正相关。*LcXTH* 基因家族成员在不同的发育时期表达特点，体现出 *LcXTH* 在荔枝花穗发育过程中细胞壁重构方面发挥重要作用。花穗发育不同时期 *LcXTH* 基因家族表达存在差异，推测 *LcXTH* 基因家族不同成员间分别在不同的花穗发育时期发挥功能。其中 *LcXTH* 亚家族 III、*LcXTH* 亚家族 IV（*LcXTH2*、*LcXTH3*、*LcXTH4*、*LcXTH5*、*LcXTH6*、*LcXTH7*、*LcXTH9*、*LcXTH10*、*LcXTH11*、*LcXTH12*、*LcXTH13*、*LcXTH22* 和 *LcXTH23*）成员及 *LcXTH20* 表达量较高，推测在花穗发育中起关键作用。

**参考文献：**


BERARDINI TZ, MUNDODI S, REISER L, et al., 004. Functional annotation of the *Arabidopsis* genome using controlled vocabularies[J]. Plant Physiol, 135(2):745.

CAMPBELL P, BRAAM J, 1998. Co- and/or post-translational modifications are critical for TCH4 XET activity[J]. Plant J, 15(4):553-561.

CHEN C, 2017. Cloning and expression profiling of XTH family genes in ramie[J]. Wuhan: Huazhong Agricultural University: 27-30. [陈悰, 2017. 苎麻 XTH 家族基因克隆及表达分析[J]. 武汉：华中农业大学, 27-30.]

DONG C，WEI YZ, WANG Y, et al., 2019，Transcriptome-wide identification and analysis of xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase (XTH) family gene in *Litchi chinensis* Sonn.[J]. Mol Plant Breed, 17(12): 3865-3873. [董晨，魏永赞，王弋，等, 2019. 基于转录组的荔枝 XTH 家族基因的鉴定及分析[J]. 分子植物育种, 17(12): 3865-3873]

GEISLERLEE J, GEISLER M, COUTINHO P M, et al.，2006. Poplar carbohydrate-active enzymes gene identification and expression analyses[J]. Plant Physiol,, 140(3):946-962.

LI WC, WEI YZ, XIE JH, et al., The invention relates to a regulation method of Feizixiao litchi flower spike[P]. 广东：CN102132666A, 2011-07-27. [李伟才，魏永赞，谢江辉，等, 2011 一种妃子笑荔枝的花穗调控方法[P]. 广东：CN102132666A, 2011-07-27.]

LIU YB, LU SM, ZHANG JF, et al., 2007. A xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase involves

in growth of primary root and alters the deposition of cellulose in *Arabidopsis*[J]. Planta, 226(6):1547-1560.

LIU Y, LIU D, ZHANG H, et al., 2007. The α- and β-expansin and xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase gene families of wheat: Molecular cloning, gene expression, and EST data mining[J]. Genomics, 90(4):516.

LU W, WANG Y, JIANG Y, et al., 2006. Differential expression of litchi XET genes in relation to fruit growth.[J]. Plant Physiol Biochem Ppb, 44(11-12):707.

NISHITANI K, TOMINAGA R, 1992. Endo-xyloglucan transferase, a novel class of glycosyltransferase that catalyzes transfer of a segment of xyloglucan molecule to another xyloglucan molecule.[J]. J Biol Chem, 267(29):21058-21064.

OPAZO MC, FIGUEROA CR, HENRIQUEZ J, et al., 2010. Characterization of two divergent cDNAs encoding xyloglucan endotransglycosylase/hydrolase (XTH) expressed in *Fragaria chiloensis* fruit.[J]. Plant Sci Int J Exp Plant Biol, 179(5):479.

SALADIÉM, ROSE JK, COSGROVE DJ, et al., 2006. Characterization of a new xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase (XTH) from ripening tomato fruit and implications for the diverse modes of enzymic action[J]. Plant J Cell Mol Biol, 47(2):282-295.

WEI Y, DONG C, ZHANG H., et al., 2017. Transcriptional changes in litchi (*Litchi chinensis* Sonn.) inflorescences treated with uniconazole[J]. PLoS ONE, 12(4):e176053.

YOKOYAMA R, ROSE JKC, NISHITANI K. 2004. A Surprising diversity and abundance of xyloglucan endotransglucosylase/hydrolases in rice[J]. Classif Exp Anal[J]. Plant Physiol, 134(3):1088.

YUAN XM, HE L, ZHANG KY, et al., 2017. Analysis of XTH genes that related to drought stress in foxtail millet[J]. J Shanxi Agric Univ (Nat Sci Ed), 37(1): 1-6 .[元香梅, 禾璐, 张凯烨,等, 2017. 谷子 XTH 基因家族与抗旱相关基因的分析[J]. 山西农业大学学报(自然科学版), 37(1): 1-6].

ZHONG HY, CHEN JW, LI CQ, et al., 2011. Selection of reliable reference genes for expression studies by reverse transcription quantitative real-time PCR in litchi under different experimental conditions[J]. Pant Cell Rep, 30(4):641-653.